

## 裸子植物的生化系统学(四) ——杉科植物的种子蛋白和针叶过氧化物酶

胡志昂 王洪新 刘长江

(中国科学院植物研究所, 北京)

**摘要** 用 SDS 聚丙烯酰胺凝胶电泳分析了杉科全部 10 属共 13 种植物的种子蛋白多肽。它们都有分子量为 32、24 和 10K (千道尔顿) 的多肽。每个分类群一般只有 2 至 4 个主要多肽, 构成种子蛋白总含量的一半; 而且其分子量都分布在 24—26K 及 29—36K 两个区域内。因此, 杉科植物种子蛋白谱与红豆杉科、三尖杉科相似, 而不同于松科。属内不同种之间, 种子蛋白组成和针叶过氧化物酶电泳谱都没有看到显著差别。根据这两种蛋白质资料, 表明杉科各属除红杉、巨杉、落羽杉相互很接近外, 其他各属间关系都比较远。但是还不能说杉科可以分立几个科。

**关键词** 杉科; 种子蛋白; 过氧化物酶

自从 Pilger (1926)<sup>[1]</sup> 把经典的松科分立七个科以来, 杉科 (Taxodiaceae) 的形态解剖、胚胎发育、染色体计数、化学成分和地理分布均有很多报道。根据 Eckenwalder (1976)<sup>[4]</sup> 对各类研究所得近 50 种性状的统计分析, 杉科各属平均相似性略高于 50%, 而以金松属 *Sciadopitys* 与其他属差别最大, 相似性仅 45%。但迄今未见生物化学方面的研究。我们曾报道过松科植物的种子蛋白和针叶过氧化物酶<sup>[1,2]</sup>, 也分析了红豆杉科的一些分类群(另文报道), 说明这两种资料有助于阐明一些属、种关系。本文报道杉科全部 10 属共 13 种植物的种子蛋白和 8 属 10 种植物针叶的过氧化物酶, 并讨论了杉科内各属的关系。

### 材 料 和 方 法

分析种子蛋白和针叶过氧化物酶的杉科各分类群分别列于表 1 和表 2。分析方法同前<sup>[1,2]</sup>。种子蛋白各多肽分子量的确定用大豆种子蛋白为标准。大豆球蛋白的 A<sub>1</sub>、A<sub>2</sub> 亚基为 37K, B 亚基为 22K<sup>[4,8]</sup>; 副大豆球蛋白  $\beta$  亚基为 57K<sup>[3]</sup>。

### 结 果 和 讨 论

(一) 种子蛋白多肽。杉科 10 属的种子蛋白多肽电泳谱见图版 1: 1, 2。为了比较, 将其主要成分的分子量列于表 3, 还包括其相对丰度。从图和表 3 可以看出以下几点: 1. 杉科各属的种子蛋白谱比较接近, 都有 24、32、10K 三种多肽。2. 每个种一般只有 2 至 4 个主要多肽, 构成总蛋白的一半以上。而且这些多肽都在 24—26 和 29—36 两个分子量范围内。这两点表明杉科种子蛋白多肽谱和红豆杉科 Taxaceae、三尖杉科 Cephalotaxaceae 相似。松科 Pinaceae 的情况就不同: 主要多肽并不集中分布, 各属之间主要

表 1 分析种子蛋白多肽的植物名录

Table 1 Plant species used for analysing seed protein peptides

中文名	学 名	中文名	学 名
密叶杉	<i>Athrotaxis selaginoides</i>	水松	<i>Glyptostrobus pensilis</i>
日本金松	<i>Sciadopitys verticillata</i>	墨西哥落羽杉	<i>Taxodium mucronatum</i>
杉木	<i>Cunninghamia lanceolata</i>	池杉	<i>Taxodium ascendens</i>
秃杉	<i>Taiwania flousiana</i>	巨杉	<i>Sequoiadendron gigantea</i>
台湾杉	<i>Taiwania cryptomerioides</i>	红杉	<i>Sequoia sempervirens</i>
柳杉	<i>Cryptomeria fortunei</i>	水杉	<i>Metasequoia glyptostroboides</i>
日本柳杉	<i>Cryptomeria japonica</i>		

表 2 分析针叶同工过氧化物酶的植物名录

Table 2 Plant species used for analysing needle isoperoxidases

中文名	学 名	中 文 名	学 名
日本金松	<i>Sciadopitys verticillata</i>	水 松	<i>Glyptostrobus pensilis</i>
杉 木	<i>Cunninghamia lanceolata</i>	落羽杉	<i>Taxodium distichum</i>
秃 杉	<i>Taiwania flousiana</i>	池 杉	<i>Taxodium ascendens</i>
柳 杉	<i>Cryptomeria fortunei</i>	红 杉	<i>Sequoia sempervirens</i>
日本柳杉	<i>Cryptomeria japonica</i>	水 杉	<i>Metasequoia glyptostroboides</i>

表 3 杉科 10 属种子蛋白多肽成分

Table 3 Seed protein peptide composition of 10 genera of Taxodiaceae

属名	Genus	36K	34K	33K	32K	29K	26K	24K	20K	17K	14K	10K	8K
密叶杉属	<i>Athrotaxis</i>	***	*		*			***				*	
金松属	<i>Sciadopitys</i>		***		***			***		*		***	**
杉木属	<i>Cunninghamia</i>			***	*			***			*	**	
台湾杉属	<i>Taiwania</i>		***		***			***	*	*	*	***	
柳杉属	<i>Cryptomeria</i>		*		***		***	*				*	**
水松属	<i>Glyptostrobus</i>		***		*	*		***		*		*	**
池杉属	<i>Taxodium</i>		*		***	*		***		*		*	**
巨杉属	<i>Sequoiadendron</i>				***		*	***		*	*	**	*
红杉属	<i>Sequoia</i>				***			**			*	**	*
水杉属	<i>Metasequoia</i>		**		**	***		**			*	*	**

\*\*\* strong band 强带; \*\* intermediate band 中等强度带; \* weak band 弱带。

多肽的分子量差别很大<sup>[2]</sup>。3. 属间比较表明, 落羽杉 *Taxodium*、红杉 *Sequoia* 和巨杉 *Sequoiadendron* 十分相近, 除全科共有的三种多肽外, 没有其他主要多肽。金松、台湾杉 *Taiwania* 和水松 *Glyptostrobus* 多一个 34K 的主要多肽。其他一些属则有其专一的成分, 如密叶杉 *Athrotaxis* 为 36K、杉木 *Cunninghamia* 为 33K、柳杉 *Cryptomeria* 为 26K 和水杉 *Metasequoia* 为 29K。4. 在分析过的属内种间没有看到显著的多肽谱差异。

(二) 针叶过氧化物酶。杉科 8 属 10 种植物的酶谱示意图见图 1。在分析过不同种的属内, 酶谱没有显著差异。属间比较表明 8 属粗略可以分为 4 组: 金松、柳杉各为一

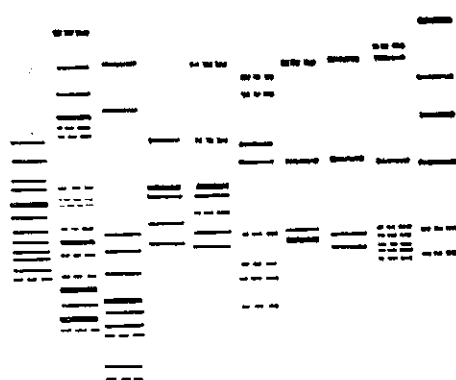


图1 杉科某些成员的针叶过氧化物酶谱

Fig. 1 Needle Peroxidases of some members of Taxodiaceae

1. 金松 *Sciadopitys verticillata*; 2. 杉木 *Cunninghamia lanceolata*; 3. 秃杉 *Taiwania flousiana*; 4. 柳杉 *Cryptomeria fortunei*; 5. 日本柳杉 *Cryptomeria japonica*; 6. 水松 *Glyptostrobus pensilis*; 7. 池杉 *Taxodium ascendens*; 8. 落羽杉 *Taxodium distichum*; 9. 红杉 *Sequoia sempervirens*; 10. 水杉 *Metasequoia glyptostroboides*.

组;杉木和台湾杉为一组;水松和落羽杉、红杉、水杉为一组。这和肥田美知之<sup>[7]</sup>的意见似乎完全一样。应该说明的是杉木和台湾杉之间酶谱的相似是很粗略的,真正相同的带很少。只有红杉和落羽杉十分接近。

(三) 属间关系。根据以上两种蛋白质资料,我们认为在杉科内除落羽杉、红杉、巨杉是关系比较密切之外,其他各属关系都比较远(其中水杉略接近以上3属)。但是杉科内部的差别并没有松科内部的差别大,因此,那种把杉科分为4至5科的主张<sup>[6]</sup>,本文的资料并不支持。

## 参 考 文 献

- [1] 胡志昂等,1983: 裸子植物的生化系统学(一)——松科植物的过氧化物酶,植物分类学报 21(4): 423—431。
- [2] 胡志昂等,1984: 裸子植物的生化系统学(二)——松科植物的种子蛋白多肽,植物分类学报 22(5): 360—366。
- [3] Beachy, R. N. et al., 1981: Biosynthesis of subunits of the soybean 7S storage protein. *J. Mol. Appl. Genet.* 1: 19—27.
- [4] Catsimpoalas, N., 1971: Molecular weight and amino acid composition of glycinin subunits. *J. Sci. Food Agric.* 22: 448—480.
- [5] Eckenwalder, J. E., 1976: Re-evaluation of Cupressaceae and Taxodiaceae. A proposed merger. *Madrono* 23: 237—300.
- [6] Hayata, B., 1932: The Taxodiaceae should be divided into several distinct families, i.e., the Limnopytaeae, Cryptomeriaceae, Taiwaniaceae and the Cunninghamiaceae; and further Tetraliniis should represent a distinct family, the Tetralinaceae. *Bot. Mag. (Tokyo)* 46: 24—27.
- [7] Hida, M., 1962: The systematic position of Metasequoia. *Bot. Mag. (Tokyo)* 75: 316—323.
- [8] Kitamura, K. et al., 1976: Subunit structure of soybean 11S globulin. *Agric. Biol. Chem.* 40: 1837—1844.
- [9] Pilger, R., 1926: Coniferae. in "Die natürlichen Pflanzen-familien" vol. 13 Ed. 2, Ed: A. Engler. Leipzig, Wilhelm Engelmann.

# BIOCHEMICAL SYSTEMATICS OF GYMNOSPERMS(4) —SEED PROTEIN PEPTIDES AND NEEDLE PEROXIDASES OF TAXODIACEAE

HU ZHI-ANG    WANG HONG-XIN    LIU CHANG-JIANG

(Institute of Botany, Academia Sinica, Beijing)

**Abstract** An analysis of seed protein peptides by using SDS polyacrylamide gel electrophoresis, indicates that all members in Taxodiaceae share three peptides with molecular weights of 24, 32 and 10 kilodaltons. Generally, seeds of this family contain 2 to 4 major peptides, and their molecular weights are distributed in two regions: 24—26 K and 29—36 K respectively. The quantity of these major peptides is near or even more than 50% of seed total protein content. This kind of protein profiles is similar to that of Taxaceae and Cephalotaxaceae rather than to that of Pinaceae. On the other hand, a considerable difference was observed in peptides with higher molecular weights. Among different species within a genus, no difference has been found both in their seed protein profiles and in their needle peroxidases. Based on the data cited here, it seems that the relationships among most genera of Taxodiaceae are not so closed as the relationship among following genera: *Sequoia*, *Sequoiadendron* and *Taxodium*.

**Key words** Taxodiaceae; Seed Protein; Peroxidase

## 图 版 I 说 明

### Explanation of Plate 1

#### 图 1 杉科的种子蛋白多肽

Fig. 1 Seed protein peptides of Taxodiaceae

1,13.大豆种子蛋白,作为分子量标准,副大豆球蛋白( $\beta$ )57K. 大豆球蛋白 A、B 亚基(37K, 22K). Conglycinin (57K) and glycinin (A subunits 37K, B subunits 22K) of soybean seed as a molecular weight standard. 2, 3. 密叶杉 *Athrotaxis selaginoides*; 4. 金松 *Sciadopitys verticillata*; 5. 杉木 *Cunninghamia lanceolata*; 6. 秃杉 *Taiwania flousiana*; 7. 台湾杉 *Taiwania cryptomerioides*; 8. 水松 *Glyptostrobus pensilis*; 9. 墨西哥落羽杉 *Taxodium mucronatum*; 10. 池杉 *Taxodium ascendes*; 11. 巨杉 *Sequoiadendron gigantea*; 12. 水杉 *Metasequoia glyptostrobos*; 14. 柳杉 *Cryptomeria fortunei*

#### 图 2 某些杉科植物的种子蛋白多肽

Fig. 2 Seed protein peptides of some members of Taxodiaceae

1.水松 *Glyptostrobus pensilis*; 2. 池杉 *Taxodium ascendes*; 3. 红杉 *Sequoia sempervirens*.